动 物 学 研 究 1999, Aug. 20 (4): 252~257
Zoological Research
CN 53-1040/Q ISSN 0254-5853

# 中国主要地方品种猪血液蛋白遗传多样性研究*

吴小秋 张亚平① 丁 波 陈永久
(中国科学院昆明动物研究所细胞与分子进化开放研究实验室 昆明 650223)
熊绿芸 何照范
(贵州农学院生化营养研究所 贵阳 550025)

**摘 要** 实验采用水平板淀粉凝胶电泳技术,对中国地方猪五大类型9个品种、1个引入品种共201个个体进行了遗传多样性分析。共分析遗传座位30个,其中只有MDH、PEPB、AK、6PGD、ADA、PHI 6个座位具有多态性。中国主要地方猪品种的多态座位百分比 $P=0.200$,平均杂合度 $H=0.065$,平均等位基因数 $A=1.300$。根据基因频率采用PHYLIP3.5c软件包计算Nei氏遗传距离,然后用"NEIGHBOR"程序分别构建Neighbor-joining(NJ)和UPGMA(unweight pair-group method with arithmetic mean)系统树。结果表明,中国地方猪品种地理关系远近与遗传关系远近并不完全一致。中国主要地方猪种遗传多样性程度较低。

**关键词** 家猪,蛋白多态,遗传多样性
**中图分类号** Q959.842

S828.2

家猪既是重要的肉畜,又是优质肥料的提供者,可以说一身是宝,对于人们的生产和生活关系极为密切。在分类上,猪属于猪科(Suidae)、猪亚科(Suinae)、猪属(*Sus*)中的一个种(谭邦杰,1992)。

中国具有世界上最丰富的猪品种资源库。这些品种独特的性状受到国内外养猪业的重视,如太湖猪的高繁殖力、香猪的肉质等(中国猪品种志编写组,1986)。然而,目前我国猪品种的遗传多样性正面临迅速缩小的趋势。据报道,到90年代初已绝灭的猪品种有2个,濒于灭绝的有5个,数量急剧减少的有8个(陈幼春,1995)。如果这种情况继续下去,许多优秀基因在我们还未认识到它们价值之前,就永远从猪基因库中消失了。为了保护中国地方猪的种质资源库,必须了解中国地方猪的遗传多样性状况。为此,本文以中国地方猪五大类型9个品种、1个引入品种为实验材料,采用水平式淀粉凝胶电泳技术,在蛋白质水平上对这些猪品种的蛋白多态性进行研究。试图了解中国家猪主要地方品种的遗传多样性状况及品种间遗传分化关系,为家猪遗传育种及合理有效地保存利用家猪遗传资源提供科学依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 动物来源

我们共分析了中国地方猪五大类型9个品种、1个引入品种共201个个体,血样分别采自各地种猪场。采样情况见表1。

### 1.2 样品的制备

每头猪静脉取血10 mL,血液用肝素抗凝。采样后用冰瓶带回。首先,以1 000 r/min离心10 min,分离出上层血浆。然后,下层红细胞以1~2倍体积的生理盐水洗涤,1 000 r/min离心10 min,吸掉上清液。重复洗涤1次。分离出的血浆和红细胞待电泳。

### 1.3 凝胶和电泳

采用水平切片淀粉凝胶进行电泳,所用电泳缓冲系统如下:

Ⅰ.Tris-Citrate(pH7.0),35~40 mA,3~4 h;
Ⅱ.Tris-Borate-EDTA(pH8.6),60 mA,5 h;

* 国家自然科学基金和云南省自然科学基金资助项目
①联系人,E-mail: zhangyp@public.km.yn.cn
本文1998-09-08收到,1999-01-08修回

Ⅲ.Tris-Borate-EDTA(pH8.0),250 V,3 h;

Ⅳ.Borate-NaOH(pH8.0),300 V,4 h;

Ⅴ.Borate-NaOH(pH7.6),60~80 mA,4 h;

Ⅵ.Citrate-Tris-LiOH-Borate(pH8.0),10 mA,18 h;

Ⅶ.LiOH-Borate(pH8.0),60 mA,5.5 h。

所用染色试剂均为美国 Sigma 公司产品。本实验检测的座位及所用的缓冲系统见表 2。

### 1.4 数据分析方法

根据蛋白质电泳测得的多个等位基因频率,计算每个座位的等位基因平均数($A$)、多态座位百分比($P$)、蛋白多态座位杂合度($h$)及平均杂合度($H$);根据基因频率用 PHYLIP 软件包计算 Nei 氏遗传距离,然后用 NJ 和 UPGMA 两种方法构建系统树,bootstrap 由 1 000 次重抽样组成,以约克夏猪作为外群(Nei 等,1983;Pasteur 等,1990)。

## 2 结　果

### 2.1 基因型和基因频率

30 个被检测的遗传座位中,有 MDH、PEPB、AK、6PGD、ADA、PHI 共 6 个座位表现出多态。表 3 为 6 个多态座位的基因型和等位基因频率分布情况。

表 1　本研究所用猪品种、样本数及采集地

Table 1　Samples and localities surveyed in present study

| 类型(type) | 品种(breed) | 样品数(No. of samples) | 采集地(locality) |
|---|---|---|---|
| 华北型(north China) | 汉江黑猪(Hanjianghei) | 29 | 陕西勉县(Mianxian, Shaanxi) |
| 华南型(south China) | 槐猪(Huai) | 6 | 福建漳平(Zhangping, Fujian) |
| 华中型(central China) | 金华猪(Jinhua) | 31 | 浙江金华(Jinhua, Zhejiang) |
| | 玉江猪(Yujiang) | 12 | 江西玉江(Yujiang, Jiangxi) |
| | 岔路猪(Chalu) | 10 | 浙江宁海(Ninghai, Zhejiang) |
| 江海型(lower Changjiang River Basin) | 太湖猪(Taihu)[①] | 46 | 江苏姜堰(Jiangyan, Jiangsu) |
| | 圩猪(Wei) | 19 | 安徽休林(Xiulin, Anhui) |
| 西南型(southwest) | 成华猪(Chenhua) | 20 | 四川成都(Chendu, Sichuan) |
| | 雅南猪(Yanan) | 18 | 四川洪雅(Hongya, Sichuan) |
| 引入品种(introduced breed) | 约克夏猪(Yorkshine) | 10 | 江苏姜堰(Jiangyan, Jiangsu) |

①太湖猪包括 25 头二花脸猪和 21 头嘉兴黑猪[Taihu pig including Erhualian pig($n$=25) and Jiaxinghei pig ($n$=21)]。

表 2　本文蛋白多态分析的遗传座位及缓冲系统

Table 2　Genetic loci and buffer system surveyed in present study

| 座位 (locus) | 标准 (EC No.) | 符号 (symbol) | 缓冲系统 (buffer) |
|---|---|---|---|
| 腺苷脱氨酶 (adenosine deaminase) | 3.5.4.4 | ADA | Ⅰ |
| 腺苷激酶 (adenylate kinase) | 2.7.4.3 | Ak | Ⅰ |
| 血浆白蛋白 (albumin) | — | Alb | Ⅳ |
| 乙醇脱氢酶 (alcohol dehydrogenase) | 1.1.1.1 | ADH | Ⅲ |
| 碳酸脱水酶 (carbonate dehydratase) | 4.2.1.1 | CAR | Ⅱ |
| 铜蓝蛋白 (ceruloplasmin) | — | Cp | Ⅵ |
| 硫锌酰胺脱氢酶－Ⅰ (diapharase-Ⅰ) | 1.6.4.3 | Dia-Ⅰ | Ⅰ |
| 硫锌酰胺脱氢酶－Ⅱ (diapharase-Ⅱ) | 1.6.4.3 | Dia-Ⅱ | Ⅰ |
| 酯酶－1 (esterase-1) | 3.1.1.1 | ES-1 | Ⅳ |
| 酯酶－2 (esterase-2) | 3.1.1.1 | ES-2 | Ⅰ |
| 酯酶－3 (esterase-3) | 3.1.1.1 | ES-3 | Ⅰ |
| α－甘油磷酸脱氢酶 (α-glycerophosphate dehydrogenase) | 1.1.1.8 | α-GPD | Ⅲ |
| 谷草转氨酶 (glutamate oxaloacetate) | 2.6.1.1 | GOT | Ⅰ |
| 乙二醛酶 (glyoxalase-Ⅰ) | 4.4.1.5 | Go-Ⅰ | Ⅶ |
| 血红蛋白－α (hemoglobin-α) | — | Hb-α | Ⅴ |
| 血红蛋白－β (hemoglobin-β) | — | Hb-β | Ⅴ |
| 己糖激酶 (hexokinase) | 2.7.1.1 | HK | Ⅰ |
| 乳酸脱氢酶－1 (lactate dehydrogenase-1) | 1.1.1.27 | LDH-1 | Ⅰ |
| 乳酸脱氢酶－2 (lactate dehydrogenase-2) | 1.1.1.27 | LDH-2 | Ⅰ |
| 苹果酸脱氢酶 (malate dehydrogenase) | 1.1.1.37 | MDH | Ⅰ |
| 苹果酸酶 (malic enzyme) | 1.1.1.40 | ME | Ⅰ |
| 肽酶 (peptidase-B) | 3.4.13.11 | PEP-B | Ⅰ |
| 过氧化物酶 (peroxidase) | 1.11.1.7 | PER | Ⅰ |
| 磷酸葡萄糖变位酶 (phosphoglucomutase) | 2.7.5.1 | PGM | Ⅰ |
| 6－磷酸葡萄糖脱氢酶 (6-phosphogluconate dehydrogenase) | 1.1.1.43 | 6PGD | Ⅰ |
| 磷酸己糖异构酶 (phosphohexose isomerase) | 5.3.1.9 | PHI | Ⅰ |
| 后转铁蛋白 (post Transferrin) | — | Post-Tf | Ⅳ |
| 山梨醇脱氢酶 (sorbitol dehydrogenase) | 1.1.1.14 | SDH | Ⅰ |
| 超氧化物歧化酶 (superoxide dismutase) | 1.15.1.1 | SOD | Ⅲ |
| 黄嘌呤脱氢酶 (xanthine dehydrosgenase) | 1.2.1.37 | XDH | Ⅲ |

### 2.2 蛋白多态性

各猪种蛋白多态座位杂合度（$h$）、蛋白多态座位百分比（$P$）、平均杂合度（$H$）和每个座位等位基因的平均数（$A$）见表4。多态座位百分比 $P=0.200$，平均杂合度 $H=0.065$，平均等位基因数 $A=1.300$。平均杂合度（$H$）从0.007（金华猪）到0.066（槐猪）。

### 2.3 遗传距离与品种分化关系

根据等位基因频率采用 PHYLIP Version 3.5 c 中的"genedist"程序计算出品种、类型间的 Nei 氏遗传距离，结果见表5。基于等位基因频率和遗传距离，用 NJ 方法构建了中国主要猪种的系统树（图1）。

结果表明，虽用约克夏猪作为外群，但得到的 NJ 树仍是一棵无根树。整个树分为两大枝，一枝由圩猪和雅南猪组成；第二枝中，太湖猪先分化出来，然后是槐猪、成华猪、金华猪、玉江猪和岔路猪组成一小枝。同时我们又构建了 UPGMA 树，与 NJ 树的拓扑结构稍有不同，主要反映在太湖猪的位置上。NJ 树中，太湖猪在第二枝的最外部；而 UPGMA 树中，却与圩猪和雅南猪形成一枝，另外，约克夏猪与圩猪、雅南猪和太湖猪形成一分枝。但是 UPGMA 树各分枝的 Bootstrap 置信度太低（多数小于50%），可靠性不高，由此，我们趋向于 NJ 树的分枝结构所反应的关系。

## 3 讨 论

### 3.1 多态座位的分布

6个多态座位中，PHI、MDH、PEPB、AK 均只有2个等位基因；而在 ADA 中，有 AA、BB、AB、BC、DD 5种基因型，A、B、C、D 4个等位基因；在 6PGD 中，有 AA、BB、CC、AB、AC、BC 6种基因型，A、B、C 3个

表3 中国主要猪品种血液蛋白多态座位基因型和基因频率

Table 3 Genotype and gene frequence of polymorphic loci in Chinese indigenous pig breeds

| | | 汉江黑猪 (Hanjianghei) | 槐猪 (Huai) | 金华猪 (Jinhua) | 玉江猪 (Yujiang) | 岔路猪 (Chalu) | 太湖猪 (Taihu) | 圩猪 (Wei) | 成华猪 (Chenghua) | 雅南猪 (Yanan) | 约克夏猪 (Yorkshine) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| MDH | AA | 3 | 1 | 0 | 0 | 0 | 29 | 18 | 8 | 14 | 6 |
| | BB | 24 | 2 | 31 | 10 | 9 | 9 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | AB | 2 | 3 | 0 | 2 | 1 | 8 | 1 | 12 | 4 | 4 |
| | A | 0.138 | 0.313 | 0.000 | 0.083 | 0.050 | 0.717 | 0.974 | 0.700 | 0.889 | 0.800 |
| | B | 0.862 | 0.687 | 1.000 | 0.917 | 0.950 | 0.283 | 0.026 | 0.300 | 0.111 | 0.200 |
| PEPB | AA | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 16 | 11 | 4 | 13 | 8 |
| | BB | 13 | 1 | 31 | 12 | 10 | 10 | 0 | 1 | 0 | 0 |
| | AB | 14 | 5 | 0 | 0 | 0 | 20 | 8 | 15 | 5 | 2 |
| | A | 0.310 | 0.417 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.565 | 0.790 | 0.575 | 0.861 | 0.900 |
| | B | 0.690 | 0.583 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 0.435 | 0.210 | 0.425 | 0.139 | 0.100 |
| AK | AA | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 2 |
| | BB | 27 | 6 | 31 | 12 | 10 | 35 | 19 | 3 | 13 | 5 |
| | AB | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 10 | 0 | 17 | 5 | 3 |
| | A | 0.069 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.130 | 0.000 | 0.425 | 0.139 | 0.350 |
| | B | 0.931 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 0.875 | 1.000 | 0.575 | 0.861 | 0.650 |
| 6PGD | AA | 0 | 1 | 0 | 2 | 0 | 0 | 8 | 0 | 0 | 0 |
| | BB | 26 | 1 | 31 | 2 | 10 | 36 | 9 | 12 | 8 | 10 |
| | CC | 0 | 0 | 0 | 3 | 0 | 0 | 0 | 2 | 0 | 0 |
| | AB | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 4 | 6 | 0 |
| | AC | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | |
| | BC | 3 | 2 | 0 | 5 | 0 | 9 | 2 | 1 | 3 | 0 |
| | A | 0.000 | 0.250 | 0.000 | 0.167 | 0.000 | 0.000 | 0.421 | 0.105 | 0.194 | 0.000 |
| | B | 0.948 | 0.500 | 1.000 | 0.375 | 1.000 | 0.900 | 0.500 | 0.763 | 0.694 | 1.000 |
| | C | 0.052 | 0.250 | 0.000 | 0.458 | 0.000 | 0.100 | 0.079 | 0.132 | 0.112 | 0.000 |
| ADA | AA | 2 | 0 | 2 | 2 | 0 | 0 | 2 | 0 | 0 | 0 |
| | BB | 20 | 4 | 26 | 3 | 9 | 3 | 10 | 14 | 13 | 10 |
| | AB | 6 | 2 | 3 | 7 | 1 | 0 | 7 | 6 | 5 | 0 |
| | BC | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | DD | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | A | 0.172 | 0.167 | 0.113 | 0.458 | 0.050 | 0.000 | 0.290 | 0.150 | 0.139 | 0.000 |
| | B | 0.810 | 0.833 | 0.087 | 0.542 | 0.950 | 0.875 | 0.710 | 0.850 | 0.861 | 1.000 |
| | C | 0.018 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.125 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | D | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| PHI | AA | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | BB | 29 | 5 | 31 | 12 | 12 | 2 | 12 | 20 | 18 | 6 |
| | AB | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 7 | 0 | 0 | 4 |
| | A | 0.000 | 0.083 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.500 | 0.237 | 0.000 | 0.000 | 0.200 |
| | B | 1.000 | 0.917 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 0.500 | 0.763 | 1.000 | 1.000 | 0.800 |

**表 4　本研究猪品种与其他猪品种蛋白多态座位杂合度（$h$）、平均杂合度（$H$）、蛋白多态座位百分比（$P$）及每个座位等位基因平均数（$A$）**

**Table 4　Heterozygosities and mean number of alleles at different loci of the Chinese pigs and comparison of genetic variability among Chinese and other native pigs**

| 品种（breed） | $n$ | $h$ | | | | | | $P$ | $H$ | $A$ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | MDH | PEPB | AK | 6PGD | ADA | PHI | | | |
| 汉黑（Hanhei） | 29 | 0.238 | 0.428 | 0.128 | 0.099 | 0.314 | 0.000 | 0.167 | 0.040 | 1.200 |
| 槐猪（Huai） | 6 | 0.430 | 0.486 | 0.000 | 0.625 | 0.278 | 0.152 | 0.167 | 0.066 | 1.200 |
| 金华（Jinhua） | 31 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.200 | 0.000 | 0.033 | 0.007 | 1.033 |
| 玉江（Yujiang） | 12 | 0.152 | 0.000 | 0.000 | 0.622 | 0.496 | 0.000 | 0.100 | 0.042 | 1.133 |
| 岔路（Chalu） | 10 | 0.095 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.095 | 0.000 | 0.067 | 0.006 | 1.067 |
| 太湖（Taihu） | 46 | 0.406 | 0.492 | 0.226 | 0.180 | 0.302 | 0.022 | 0.200 | 0.055 | 1.167 |
| 圩猪（Wei） | 19 | 0.051 | 0.332 | 0.000 | 0.744 | 0.412 | 0.362 | 0.167 | 0.063 | 1.200 |
| 成华（Chenghua） | 20 | 0.420 | 0.489 | 0.489 | 0.389 | 0.255 | 0.000 | 0.167 | 0.068 | 1.200 |
| 雅南（Yanan） | 18 | 0.197 | 0.239 | 0.239 | 0.468 | 0.239 | 0.000 | 0.167 | 0.046 | 1.200 |
| 总计（total） | 191 | | | | | | | 0.200 | 0.065 | 1.300 |
| 约克夏（Yorkshine） | 10 | 0.320 | 0.180 | 0.455 | 0.000 | 0.000 | 0.320 | 0.133 | 0.043 | 1.133 |
| Tangail① | 17 | | | | | | | 0.236 | 0.085 | |
| Mymensingh① | 5 | | | | | | | 0.158 | 0.074 | |
| Comilla① | 2 | | | | | | | 0.211 | 0.092 | |
| Sylhet① | 8 | | | | | | | 0.211 | 0.084 | |
| Chittagong① | 11 | | | | | | | 0.211 | 0.072 | |
| Rangamati① | 20 | | | | | | | 0.263 | 0.103 | |
| Sri Lanka② | 41 | | | | | | | 0.364 | 0.120 | |
| Taoyuan③ | 52 | | | | | | | 0.211 | 0.100 | |
| Short ear③ | 19 | | | | | | | 0.316 | 0.141 | |

①：孟加拉国地方猪种(Kurasawa 等,1987)；②：斯里兰卡地方猪种(Tanaka 等,1986a)；③：台湾本地猪(Tanaka 等,1986b)。
[①：Indigenous pig breeds in Bangladesh (Kurasawa *et al*,1987)；②：Indigenous pig breed in Sri Lanka (Tanaka *et al*,1986a)；③：Indigenous pig breeds in Taiwan (Tanaka *et al*,1986b).]

**表 5　中国地方猪各品种及约克夏猪间的遗传距离**

**Table 5　Matrix for Nei's genetic distance among Chinese indigenous pig breeds and Yorkshine**

| | 汉江黑猪 (Hanjianghei) | 槐猪 (Huai) | 金华猪 (Jinhua) | 玉江猪 (Yujiang) | 岔路猪 (Chalu) | 太湖猪 (Taihu) | 圩猪 (Wei) | 成华猪 (Chenghua) | 雅南猪 (Yanan) | 约克夏猪 (Yorkshine) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 汉江黑猪(Hanjianghei) | — | | | | | | | | | |
| 槐猪(Huai) | 0.0439 | — | | | | | | | | |
| 金华猪(Jinhua) | 0.1416 | 0.2341 | — | | | | | | | |
| 玉江猪(Yujiang) | 0.0973 | 0.0804 | 0.1641 | — | | | | | | |
| 岔路猪(Chalu) | 0.0200 | 0.0795 | 0.1295 | 0.0906 | — | | | | | |
| 太湖猪(Taihu) | 0.0919 | 0.0810 | 0.3322 | 0.2554 | 0.1631 | — | | | | |
| 圩猪(Wei) | 0.3032 | 0.1681 | 0.6404 | 0.4426 | 0.4323 | 0.0880 | — | | | |
| 成华猪(Chenghua) | 0.4168 | 0.3579 | 0.1940 | 0.1969 | 0.4020 | 0.6489 | 0.8912 | — | | |
| 雅南猪(Yanan) | 0.2194 | 0.1433 | 0.5684 | 0.4266 | 0.3447 | 0.0358 | 0.0349 | 0.8618 | — | |
| 约克夏猪(Yorkshine) | 0.2203 | 0.2049 | 0.6004 | 0.5539 | 0.3398 | 0.0552 | 0.1083 | 1.1127 | 0.0404 | — |

等位基因。AK、MDH 未曾有多态报道，但我们在大部分猪种的 AK 座位上观察到迁移较快的 A 带和迁移较慢的 B 带及其 3 条带的杂合型；在 MDH 座位上观察到迁移较快的 2 条带和迁移较慢的 2 条带及 3 条带的杂合型。

PEPB 座位：金华猪、玉江猪、岔路猪只有 B 基因；汉江黑猪和槐猪 PEP－B 基因频率高于 PEP－A 基因频率，其余猪种则是 PEP－B 基因频率低于 PEP－A。

AK 座位：在所有猪种中，AK－B 基因频率在所有猪种中普遍高于 AK－A。

在 6PGD 和 ADA 座位上，中国猪各品种表现出显著的多态性，而引入品种约克夏猪都是单态（表 2）。在东亚的 Bangladesh 地方猪品种中也有同样的趋势出现（Kurosawa 等，1987）。中国猪各品种的平均杂合度（$H$）低于亚洲地区其他地方猪品种。圩猪和雅南猪与其他猪品种分化明显。地理位置的远近与亲缘关系远近并不完全一致。西南型的内江猪与同属西南型的荣昌猪、雅南猪、成华猪地理位置较近，它们的基因频率有差异，而亲缘关系较远。内江猪的 ADA－A 基因频率（0.900）远远高于其他猪品种。Kurosawa 等（1988）报道对猪属的另外两个种髭野猪（*Sus barbatus*）和南洋疣猪（*Sus verracosus*）及家猪与南洋疣猪的杂种的血液蛋白多态研究，在 6PGD 座位上，所有个体只有 6PGD－A 等位基因。中国猪品种的 6PGD－A 等位

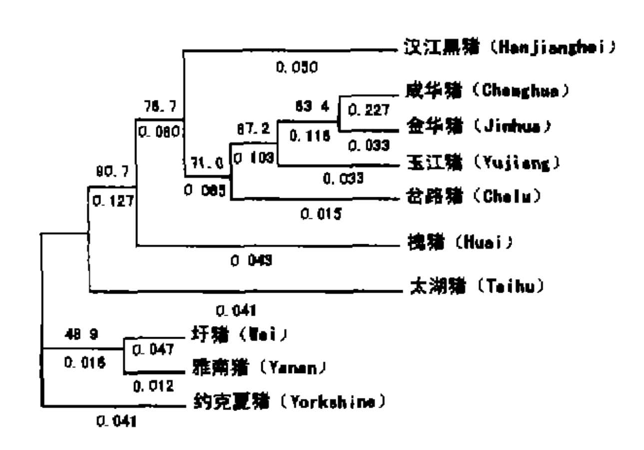



图 1 中国地方猪品种 NJ 树

Fig. 1 The phylogenetic tree of Chinese indigenous pig breeds

基于蛋白电泳基因频率值,用 PHYLIP 3.5c 软件构建;Bootstrap 由 1 000 次重抽样组成,约克夏猪为外群,Bootstrap 值和枝长分别列于每一枝的上下。(The tree is derived from Neighbor-Joining analysis in PHYLIP ver. 3.5 c based on gene frequences. Bootstrap analysis consisted of 1 000 replications, using Yorkshine as the outgroup. The bootstrap confidence value and length of each branch are indicated above and below the branch, respectively.)

基因频率均低于东亚孟加拉国地方猪和东亚野猪 (Kurosawa 等, 1991), 而 6PGD-B 等位基因频率则明显高于孟加拉国地方猪和东亚野猪。因此, 从我们的数据可以初步看出这样一种趋势, 即中国地方猪品种有着很高的 6PGD-B 等位基因频率。

PHI 座位, 所有猪品种的等位基因 B 的基因频率较高。东南亚地方猪的等位基因 B 也有着很高的频率, 我们的研究显示了同样的结果 (表 3)。

### 3.2 品种分化关系

从系统树看出, 各猪品种间的亲缘关系与地理位置远近并不完全一致。例如, 属于江海型的圩猪 (来源于安徽休林) 与属于西南型的雅南猪 (来源于四川洪雅), 两者在地理上相距数千里, 前者属于平原, 而后者为盆地, 但两者亲缘关系却很近 (图 1)。另外, 中国地方猪各品种之间仍然存在近期的基因交流, 这可能是由于相互引种造成基因交流所致。

### 3.3 遗传多样性与保护

以往蛋白多态性的研究表明, 哺乳动物种内有一定水平的变异, 其多态座位百分比和平均杂合度的平均值分别为 $P=0.222$, $H=0.050$ (Nevo 等, 1984)。70 年代, 日本的 Nozawa 等 (1976, 1980) 对东亚地区的数种家养动物的蛋白多态性进行了广泛研究。他们的研究结果给出了相当高的平均杂合度值, 其中马的平均杂合度值高达 0.1 以上, 所分析的遗传座位数为 21 个; 山羊的平均杂合度值低于 0.040, 分析的遗传座位数为 27; 绵羊的平均杂合度为 0.070, 分析的遗传座位数为 30 个 (Manwell 等, 1977); 牛的平均杂合度为 0.12 以上, 分析的座位数为 17 个 (Abe 等, 1975)。本研究分析了 30 个遗传座位, 中国主要地方猪品种的平均杂合度值 ($H$) 为 0.065, 多态座位百分比 ($P$) 为 0.200, 与上述数据相比, 高于山羊, 低于绵羊、牛和马。与国外已报道的家猪数据相比, 本研究中多态座位百分比 ($P$) 和平均杂合度 ($H$) 均低于东亚地区家猪。此结果表明, 中国地方猪品种遗传多样性程度比较低, 这与聂龙等 (1995) 对中国西南地区家猪的报道一致。

我国猪虽然地方品种繁多, 但品种内遗传多样性程度并不高, 再加上商业和一些人为的原因, 我国猪的遗传资源面临着不断萎缩的危险。因此, 建议对一些优良品种或具有潜在优良种质特性的地方品种, 进一步建立能维持一定种群数量的保种场, 特别是具有较多血统数的公猪, 适当加大投资力度, 以使这些基因库得以维持与发展。

**致 谢** 在样品收集过程中, 中国科学院昆明动物研究所聂龙, 西南民族学院钟光辉, 南京农业大学王林云、徐银学、刘红林、韦习会, 华中农业大学周俊林, 甘肃农业大学门正明, 安徽省黄山市畜牧兽医站张正忠、凌荣春, 江苏姜堰市种猪场陈华才, 厦门大学陈元霖, 安徽师范大学蒋模有、陈宏权, 浙江嵊县花猪育种场吕军良, 浙江农业大学徐继初、章胜乔, 辽宁师范大学李庆伟, 西北农业大学涂正超, 贵州省科委高焕森, 贵州省农业局程蜀黔等同志, 福建省漳平县畜牧兽医站, 安徽省南凌县畜牧兽医站, 南凌县圩猪种猪场, 浙江嘉兴黑猪种猪场等单位给予了大力支持; 在实验过程中, 中国科学院昆明动物研究所刘爱华、苟世康、王文、宿兵、朱春玲、齐瑾等同志给予了大力协助, 谨致谢忱。

## 参 考 文 献


中国猪品种志编写组，1986. 中国猪品种志. 上海：上海科学技术出版社 62～133.（Editorial group of the "Pig breeds in China", 1986. Pig breeds in China. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publishers. 62 – 133.）

陈幼春，1995. 中国家畜多样性保护的意义. 生物多样性，3(3)：143～146.［Chen Y C, 1995. The signification of domestic animal diversity in China. *Chinese Biodiversity*, 3(3): 143 – 146.］

聂 龙，施立明，1995. 西南地区地方品种猪血液蛋白遗传多样性研究. 生物多样性，3(1)：1～7.［Nie N, Shi L M, 1995. Study on genetic diversity of pigs in Southwest China inferred from protein electrophoresis. *Chinese Biodiversity*, 3(1): 1 – 7.］

谭邦杰编著，1992. 哺乳动物分类名录. 北京：中国医药科技出版社. 395～396.（Tan B J, 1992. A systematic list of the mammals. Beijing: Chinese medicine and pharmaceutical scientific and technical publishers. 395 – 396.）

Abe T, Komatsu M, Oishi T *et al*, 1975. Genetic polymorphism of milk protein in Japanese cattle and European cattle breeds in Japan. *Jap. J. Zootech. Sci.*, 46: 591 – 599.

Kurosawa Y, Amano T, Okada I *et al*, 1987. Blood groups and biochemical polymorphisms in the native pig populations of Bangladesh. In: Genetic studies on breed differentiation of the native domestic animals in Bangladesh, Part 2. Hiroshima Univ. 59 – 74.

Kurosawa Y, Tanaka K, Tomita T *et al*, 1988. Blood groups and biochemical polymorphisms of Warty (or Javan) pigs, beared pigs and a hybrid of domestic X Warty pigs in the Philippines. *Jpn J. Zootech Sci.*, 60(1): 57 – 69.

Kurosawa Y, Tanaka K, 1991. PGD variant in several wild pig populations of East Asia. *Animal Genetics*, 22: 357 – 360

Manwell C, Baker C M A, 1977. Genetic distance between the Australian Merino and the Poll Dorset Sheep. *Genet. Res.*, 29: 239 – 253.

Nei M, Tajima F, Tatano Y, 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.*, 19: 153.

Nevo E, Beiles A, Ben-Schlomo R, 1984. The evolutionary significance of genetic diversity. In: Cook L M(ed.). Genetic and ecological diversity. London: Chapman and Hall. 105 – 109.

Nozawa K, Shotake T, Ohkurae Y, 1976. Blood protein variation within and between the east Asian and European horse populations. Z. *Tierzuchty Zuchtysbiol.*, 93: 60 – 74.

Nozawa K, 1980. Phylogenetic studies on the native domestic animals in east and southeast Asia. In: Proceedings of SABRAO work shop on animal genetic reseach in Asia and Oceania. Tropical Agriculture Research Center Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries, Japan. 23 – 77.

Pasteur N, Pasteur G, Bohomme F *et al*, 1990. Practical isozyme genetics. NewYork: Haslted Press. 83 – 150.

Tanaka K, Kurosawa Y, Cyril H W, 1986a. Morphological and genetical studies on the native pigs in Sri Lanka. *Rep. Soc. Res. Native Livestock*, 11: 129 – 141.

Tanaka K, Kurosawa Y, Oishi T, 1986b. Genetic studies on the native pigs in Taiwan, III. Genetic xonstitution of Taoyuan and Short-ear breeds of Taiwan native pigs analyzed by blood protein polymorphism. *Jpn. J. Suine Sci.*, 23: 26 – 30.


## GENETIC DIVERSITY OF BLOOD PROTEIN AMONG MAIN INDIGENOUS PIG BREEDS IN CHINA


WU Xiao-qiu ZHANG Ya-ping DING Bo CHEN Yong-jiu

(*Laboratory of Cellular and Molecular Evolution, Kunming Institute of Zoology, the Chinese Academy of Sciences, Kunming* 650223)

XIONG Lu-yun HE Zhao-fan

(*Institute of Biochemical Nutrition, Guizhou Agricultural College, Guiyang* 550025)



**Abstract** A total of 201 blood samples including 9 indigenous pig breeds (*Sus scrofa domesticus*) in China and Yorkshine pigs were collected in order to evaluate the genetic diversity among Chinese pig breeds. Thirty blood protein loci were studied by horizontal starch gel electrophoresis, among which 6 loci (MDH, PEPB, AK, 6PGD, ADA, PHI) were found to be polymorphic. The percentage of polymorphic loci ($P$), the mean individual heterozygosity ($H$) and the mean number of alleles ($A$) are 0.200, 0.065 and 1.300, respectively. The degree of genetic variability of Chinese indigenous pig breeds as a whole was higher than that of goats, lower than those of cattle, horses and sheep. Using gene frequencies of the 30 loci, the pairwise genetic distance among the 9 indigenous breeds in China were calculated by software PHYLIP3.5 c. The phylogenetic trees were constructed using NJ and UPGMA methods. The results suggest that the geographical distribution do not consist with the genetic relationship among Chinese indigenous pig breeds. The genetic diversity among Chinese indigenous pig breeds is low.



**Key words** Domestic pig, Chinese indigenous breeds, Protein polymorphism, Genetic diversity